

Caracterización de los mecanismos de resistencia a oximino-cefalosporinas en aislamientos de *Escherichia coli* procedentes de hisopados rectales caninos en Uruguay

Primer reporte

SILVANA TANIA D'AGOSTO LAICOVSKI², VIRGINIA GARCÍA FULGUEIRAS¹, NADIA COPPOLA¹, INÉS VIDAL CURTINELLA², RODRIGO PUENTES² Y RAFAEL VIGNOLI¹

¹ Departamento de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

² Departamento de Ciencias Microbiológicas, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

sdagosto@gmail.com

El sobreuso de antibióticos beta-lactámicos ha promovido la diseminación de mecanismos de resistencia como beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE), cefalosporinasas de clase C (AmpC) y carbapenemasas (CP) en humanos y animales. Se describen prevalencias de *Escherichia coli* (*E. coli*) resistentes a oximino-cefalosporinas en caninos entre 1 %-55 % asociado a BLEE, AmpC o CP. Nuestro objetivo fue caracterizar los mecanismos de resistencia a oximino-cefalosporinas en cepas de *E. coli* aisladas de hisopados rectales de caninos. Se estudiaron 200 caninos (Facultad de Veterinaria, Uruguay, 2019). Las muestras se sembraron en agar MacConkey Lactosa (1 mg/L de ceftriaxona). La identificación

bacteriana se realizó mediante MALDI-TOF y la susceptibilidad a antibióticos se determinó mediante disco difusión. Para colistina se realizó *screening* en placa (3 mg/L). De acuerdo a los resultados de susceptibilidad se buscaron genes de resistencia mediante PCR y secuenciación para genes codificantes de resistencia a oximino-cefalosporinas, fosfomicina y colistina. Se detectó resistencia a oximino-cefalosporinas en 31/200 caninos (15,5 %). Todos los aislamientos fueron resistentes a ceftriaxona, seguido de amoxicilina-clavulánico (61 %), cefepime (52 %), ceftazidime (45 %), cefoxitín (32 %), meropenem (10 %) e imipenem (6 %), estreptomina (65 %), gentamicina (39 %), enrofloxacin (29 %), fosfomicina (6 %) y colistina (3 %). No se observó resistencia a amikacina. Los genes caracterizados fueron: *bla*_{CTX-M-15} (n=7), *bla*_{CTX-M-55} (n=2), *bla*_{CTX-M-2} (n=12), *bla*_{CTX-M-8} (n=3), *bla*_{CTX-M-14} (n=3), *bla*_{CMY-2} (n=6) y *bla*_{NDM-1} (n=2). Se detectó coproducción de enzimas en 4 aislamientos (CTX-M-14/-15, CTX-M-2/CMY-2, CTX-M-8/-15, CTX-M-2/-8). Se detectó la presencia de *fosA3* en dos aislamientos (asociados a *bla*_{CTX-M-55} y *bla*_{CTX-M-14}) y *mcr-1* en uno, asociado a *bla*_{CMY-2}. Este es el primer estudio que evidencia la circulación de *E. coli* productoras de BLEE, AmpC, CP, *fosA3* y *mcr-1* recuperadas de heces caninas en Uruguay. La detección de mecanismos de resistencia asociados a colistina y fosfomicina es preocupante ya que no son antibióticos utilizados en caninos en nuestro país. Los caninos estudiados implican un potencial reservorio de genes de resistencia a antibióticos de importancia crítica, que pueden diseminarse entre la población canina y humana ya sea por diseminación de las cepas involucradas ó de los genes codificantes.

Palabras clave: *Escherichia*, CTX-M, CMY-2, NDM-1, *mcr-1*, caninos.